

IDENTIFICATION

Species: *Salix purpurea*

Locus: Sapur.016G133400

Gene Model: Sapur.016G133400.1.p

Description: SprEXPA-22

Family: Alpha Expansin

3D structure:



GENOME DATABASES

Phytozome: https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Spurpurea_v5_1

KEGG:-

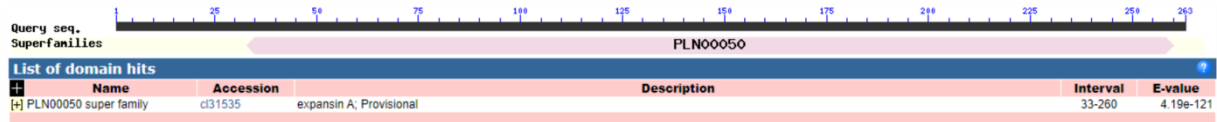
EXTERNAL RESOURCES

-

GENE STRUCTURE



DOMAIN ARCHITECTURE



SEQUENCES

Peptide

>SprEXPA-22

MAMSSLIRIATGLLIMSSLWMGEARIPGVYSGGAWQDAHATFYGGSDASGTMGG
ACGYGNLYSQGYGVNTAALSTALFNGLSCGSCFEIKCASDPRWCHSGSPSIFITATN
FCPPNYAQPSDNGGWCNPPRPHFDLAMPMLFKIAEYRAGIVPVA YRRVPCRKRGGIR
FTINGFRYFNLVLISNVAGAGDIVQVS VKGSKTGWMSMSRNWQNWQSNSVLVGQS
LSFRVRASDRRSSTSWNIAPAHWQFGQFTTGKNFRV*

CDS (coding sequence)

>SprEXPA-22

ATGGCAATGAGTAGTTTAATTCGCATTGCCACTGGTCTGCTAATTATGATGTCATC
GTTGTGGATGGGTGAAGCTAGAATTCCTGGTGTACTCCGGGGGTGCTTGGCAA
GATGCTCACGCAACCTTCTATGGCGGTTCTGATGCCTCTGGCACGATGGGAGGAG
CTTGTGGATATGGAAATCTGTACAGCCAAGGGTATGGAGTGAACACTGCAGCACT
CAGCACAGCGCTGTTCAACAACGGGTTAAGTTGCGGTTCTTGCTTTGAGATAAAA
TGCGCAAGTGACCCAAGGTGGTGCCACTCAGGCAGCCCATCTATTTTCATCACTG
CAACCAATTTTGGCCGCAAATTATGCACAACCTAGTGACAATGGAGGCTGGTG
CAACCCTCCTCGCCCCACTTTGACCTAGCCATGCCCATGTTCCTTAAGATCGCCG
AGTATCGTGCCGGTATCGTCCCCGTTGCCTACCGCCGAGTGCCATGCCGCAAGAG
GGGAGGCATAAGGTTCAACAATAACGGATTCCGTTACTTCAACCTGGTATTGATC
AGCAACGTGGCGGGTGCAGGGGATATAGTGCAGGTGAGCGTGAAAGGTTCAAAG
ACTGGTTGGATGAGCATGAGCCGTA ACTGGGGTCAAACTGGCAGTCAA ACTCTG
TTCTGGTTGGCCAGTCACTCTCTTTCCGGGTCAGGGCCAGCGACAGACGCTCTTCC
ACTTCATGGAACATAGCTCCTGCCACTGGCAGTTTGGTCAA ACTTTTACCGGCA
AGAATTTCAAGGTCTAA

Nucleotide

>SprEXPA-22

CCTAAGGAAAGTGGGAGATGGGGTTTGTGGTAAATTCCAAATTGTGCCCTTCCA
GCCTTCCTTGCCTCCTCTTTAAGTACTCAGCTTCCCTGCTCTGAGCCCTTCACATCC
CCACTAACTCTCTTTCCCTCCCTCCCTCTCTCGCTGACCAAAGTTGAAGGGTGCTG
GTTTAGTAGTACAGTGGAGAGAAAATGGCAATGAGTAGTTTAATTCGCATTGCCA
CTGGTCTGCTAATTATGATGTCATCGTTGTGGATGGGTGAAGCTAGAATTCCTGGT

GTTTACTCCGGGGGTGCTTGGCAAGATGCTCACGCAACCTTCTATGGCGGTCTG
ATGCCTCTGGCACGATGGGTGAGTCCCTGTTTCTTACTCACTGCTCACATTAATA
AACCTGATGAACTCAGCTAGGTCTAGTCTTCATTAAGCTTTTAACGGTCTGTTTT
TTGGACTTAAGAGCATCATAGTGAGCGGCATTGGCCTGAAAAATGAAGCTAACT
GGTAGACGTACAGTTTTAGCTGTTAATCTATGTAATTAGAGTGATTAATGTGTGTG
TGTTTACAGGAGGAGCTTGTGGATATGGAAATCTGTACAGCCAAGGGTATGGAGT
GAACACTGCAGCACTCAGCACAGCGCTGTTCAACAACGGGTAAAGTTGCGGTTCT
TGCTTTGAGATAAAATGCGCAAGTGACCCAAGGTGGTGCCACTCAGGCAGCCCAT
CTATTTTCATCACTGCAACCAATTTTTGCCCGCCAATTATGCACAACCTAGTGAC
AATGGAGGCTGGTGCAACCCTCCTCGCCCCACTTTGACCTAGCCATGCCCATGT
TCCTTAAGATCGCCGAGTATCGTGCCGGTATCGTCCCCGTTGCCTACCGCCGGTCA
GTGCCTTTTCAACTCTCTGTTTTCCCCCTGTTTATATGCCTTTAAACTTCAGCTATT
TTAGTTAGCACAAAGGAAAATACGAGTTCACCCTTTTTTTTTCTTTTTAAACCTGTCC
GCCTAACTTTTACATGACATCGATTTTAGGTTTTAGATCTTGATAAAACTAAAAA
TCGGATTTCTCTTCTAGCTAAAGCAGAGGGTCAAGAGATAGAACTAGTGATAG
CTAGCCCGAAAAGCTAACGTTCCATGATGAGATAAAGTGATAGGTTTGTAATGTA
ATTTGGCCCAACAACAGCCTTCATTGTACCACAAAAGATTAGCTCTCTGAAGCC
ATGAAAATATACTCAAGATGTGCGAAAAGAACATCCACAAAATGTGCGGAAAGG
ACCTATTTTTGGTGGGTCTTCTTCTTTTTGTCAACCAATTTTCTACCTTTGAATC
TTGTTGTCATCCAAACATGTTTTAACTGAAGCCACCAAACAGATTATGTTATTAAG
AAGTGTTGGTGGGTAGTTAGACCTCAACATCTTGTCTTGTGTCCTTACCTCATT
TACCCGCGGGACCGTTTATGGTCACCTTCGGTGGTTTGTCTAGTACTAAAAATACC
AATGCACCCTTGTCCATTCGTTTCTACGCTTATGAGAAGGGAAAAAAAATAGTT
TACATTTTTGTGCATAAAAAAAAAAATCCCTTCTTCAGAAAGTGGAGTCAGGTTCT
TATGAGAGTGGGAAAATCATAACATTTTCGTCAAACACCAAACCCAAAAATCAC
GCCTCTCAAGATCCTAGACTTCCATGTTTATGTTTATTTATTTTTAATGCTTAGGT
TAGGCCCTTCTTGTAATTTATTTTTGATTGCTGCAATTACGAAAGTGCCTGACGA
TCTAAACGGCGCGTGCAGAGTGCCATGCCGCAAGAGGGGAGGCATAAGGTTTAC
AATAAACGGATTCCGTTACTTCAACCTGGTATTGATCAGCAACGTGGCGGGTGCA
GGGGATATAGTGCAGGTGAGCGTGAAAGGTTCAAAGACTGGTTGGATGAGCATG
AGCCGTAACGGGGTCAAACTGGCAGTCAAACCTCTGTTCTGGTTGGCCAGTCAC
TCTCTTCCGGGTGAGGGCCAGCGACAGACGCTCTTCCACTTCATGGAACATAGC
TCCTGCCCACTGGCAGTTTGGTCAAACCTTTTACCGGCAAGAATTTAGGGTCTAAT
TCCTTTAATATTCATCCAACCCAAAAAAAACCTATAAAAAGTCCTGAAGTTTTTT
TTTGGTGTGGGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGACATGGGACGTTTGGTTGGGGGATGTT
AAAGTAAAAGTGGGGTGTTATAATTCGGGGATGGTCAAATTGGGGTGGTGTGTTT
TTTACTTCAAGATTTGTATGTGTTTATCAACTTCGAAGTGGTGGTAACAAGGGG
AGGAGGAGACTGAGGCTGAGGCGGCTGCACAAAGATGGTTAGCCCGCTGTCTAG
ATAATATTAATTAATGTATGGTGATTTTATACATTGTGAGAAGTGTATTGTGGTGG
TAGTTTATAGTAGTTGGTCAATGGCAAGAATATTTAGTTTGCTTTTCCATGTTCTT
TTCTCTTGGCCCAAGTGAATTTCTTTTCAAAAAAAGTGAGAAAAAATATTGATT
GGGACTTCGGGACGAGACAATTTCCATGAAGAATAAAGGATGTATACAAAATAA
GCGGCCATCAATTGAATGTTTGTTCGATCTGTACACATGACACACATAGG